```
BLASTN 2.2.19+
Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and
Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA
sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.


RID: URU3KT33016


Database: Nucleotide sequences derived from the Patent division of
GenBank
           8,753,385 sequences; 4,832,233,817 total letters
Query= SID_3
Length=2660
```

	Score	E
Sequences producing significant alignments:	(Bits)	Value
dbj|DI129697.1| AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FORTRANSIEN...	4817	0.0
dbj|DI109112.1| FLP-mediated Recombination	4817	0.0
dbj|DJ052243.1| FLP-mediated Recombination	4817	0.0
dbj|DD418156.1| AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FOR TRANSIE...	4817	0.0
dbj|E00140.1| Genomic DNA encoding human growth hormone	4795	0.0
emb|AX719120.1| Sequence 1 from Patent EP1295938	4724	0.0
emb|AX659146.1| Sequence 1 from Patent WO02101002	4724	0.0
emb|CS741886.1| Sequence 9882 from Patent WO2005083127	4684	0.0
emb|CS741885.1| Sequence 9881 from Patent WO2005083127	4684	0.0
gb|GC699295.1| Sequence 14540 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699294.1| Sequence 14539 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699293.1| Sequence 14538 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699292.1| Sequence 14537 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699291.1| Sequence 14536 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699290.1| Sequence 14535 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699289.1| Sequence 14534 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699288.1| Sequence 14533 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699287.1| Sequence 14532 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699286.1| Sequence 14531 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699285.1| Sequence 14530 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699284.1| Sequence 14529 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699283.1| Sequence 14528 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699282.1| Sequence 14527 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699281.1| Sequence 14526 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699280.1| Sequence 14525 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699279.1| Sequence 14524 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699278.1| Sequence 14523 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699277.1| Sequence 14522 from patent US 6812339	2802	0.0
gb|GC699276.1| Sequence 14521 from patent US 6812339	2802	0.0
emb|FB669399.1| Sequence 44 from Patent WO2007144105	2796	0.0
dbj|DI131946.1| Growth Hormone Variation in Humans and its uses	2796	0.0
emb|CS694111.1| Sequence 25 from Patent WO2007077422	2796	0.0
emb|CS694086.1| Sequence 7 from Patent WO2007077423	2796	0.0
dbj|DD441736.1| Growth Hormone Variation in Humans and its uses	2796	0.0
dbj|DD211379.1| New Mutations	2796	0.0
emb|CQ818162.1| Sequence 1 from Patent WO2004044002	2796	0.0
emb|AX767318.1| Sequence 1 from Patent WO03042245	2796	0.0
emb|AX512768.1| Sequence 2 from Patent EP1233063	2793	0.0
dbj|DD164250.1| Single Nucleotide Polymorphisms in GH-1	2776	0.0
gb|I41411.1|I41411 Sequence 5 from patent US 5625124	2702	0.0
gb|AR134712.1|AR134712 Sequence 9 from patent US 6194176	2625	0.0

/JD/

```
gb|AR108064.1|AR108064  Sequence 9 from patent US 6110707        2625    0.0
gb|AR102885.1|AR102885  Sequence 9 from patent US 6087129        2625    0.0
dbj|DI105645.1|  Expression system                               2135    0.0
dbj|DD292520.1|  GENE EXPRESSION SYSTEM BASED ON CODON TRANSLA... 2135    0.0
dbj|DI013548.1|  PHAGE-DEPENDENT SUPER PRODUCTION OF BIOLOGICA... 2102    0.0
emb|CS491929.1|  Sequence 2 from Patent WO2007018583             2102    0.0
dbj|DD080951.1|  PHAGE-DEPENDENT SUPERPRODUCTION OF BIOLOGICAL... 2102    0.0
gb|AR575651.1|  Sequence 8 from patent US 6773899                2102    0.0
dbj|DM033602.1|  CONJUGATES OF BIOLOGICALLY ACTIVE PROTEINS HA... 2091    0.0
emb|CS704166.1|  Sequence 2473 from Patent WO2006081249          2091    0.0
gb|AR119909.1|AR119909  Sequence 1 from patent US 6153427        2091    0.0
gb|AR794573.1|  Sequence 17 from patent US 6998472               2060    0.0
dbj|BD235612.1|  Gene                                            2060    0.0
dbj|DI105163.1|  Expression system                               1969    0.0
dbj|DD292521.1|  GENE EXPRESSION SYSTEM BASED ON CODON TRANSLA... 1969    0.0
dbj|DD373892.1|  METHODS FOR DIAGNOSING RCC AND OTHER SOLID TU... 1923    0.0
emb|CS732094.1|  Sequence 90 from Patent WO2005083127            1797    0.0
gb|AR108119.1|AR108119  Sequence 72 from patent US 6110707       1731    0.0
gb|AR108118.1|AR108118  Sequence 70 from patent US 6110707       1731    0.0
gb|I02855.1|  Sequence 1 from Patent US 4446235                  1511    0.0
gb|I02856.1|  Sequence 2 from Patent US 4446235                  1339    0.0
dbj|DL066432.1|  Cancer Gene Determination and Therapeutic Scr... 1308    0.0
emb|AX335036.1|  Sequence 5545 from Patent WO0194629             1308    0.0
emb|CS732112.1|  Sequence 108 from Patent WO2005083127           1301    0.0
emb|CS732114.1|  Sequence 110 from Patent WO2005083127           1242    0.0
emb|CS732113.1|  Sequence 109 from Patent WO2005083127           1238    0.0
emb|CS732104.1|  Sequence 100 from Patent WO2005083127           1238    0.0
emb|CS732100.1|  Sequence 96 from Patent WO2005083127            1238    0.0
emb|CS732095.1|  Sequence 91 from Patent WO2005083127            1238    0.0
emb|CS732086.1|  Sequence 82 from Patent WO2005083127            1238    0.0
emb|CS732111.1|  Sequence 107 from Patent WO2005083127           1236    0.0
emb|CS732093.1|  Sequence 89 from Patent WO2005083127            1236    0.0
emb|CS732092.1|  Sequence 88 from Patent WO2005083127            1234    0.0
dbj|DI012300.1|  METHODS OF TREATMENT USING ErbB ANTIBODY-MAYT... 1227    0.0
gb|AR928865.1|  Sequence 7 from patent US 7097840                1227    0.0
gb|AR409602.1|  Sequence 1 from patent US 6632979                1227    0.0
emb|AX060703.1|  Sequence 1 from Patent WO0100244                1227    0.0
gb|I02857.1|  Sequence 3 from Patent US 4446235                  1227    0.0
gb|AR112701.1|AR112701  Sequence 9 from patent US 6130092        1190    0.0
emb|CS457474.1|  Sequence 3 from Patent EP1731607                1168    0.0
emb|CQ803124.1|  Sequence 10 from Patent WO2004035782            1168    0.0
emb|CQ803123.1|  Sequence 9 from Patent WO2004035782             1168    0.0
emb|CQ803122.1|  Sequence 8 from Patent WO2004035782             1168    0.0
emb|CQ803121.1|  Sequence 7 from Patent WO2004035782             1168    0.0
emb|CQ803120.1|  Sequence 6 from Patent WO2004035782             1168    0.0
emb|CQ803119.1|  Sequence 5 from Patent WO2004035782             1168    0.0
gb|GC693420.1|  Sequence 2793 from patent US 6812339             1109    0.0
gb|GC693419.1|  Sequence 2792 from patent US 6812339             1109    0.0
gb|GC693418.1|  Sequence 2791 from patent US 6812339             1109    0.0
gb|GC693417.1|  Sequence 2790 from patent US 6812339             1109    0.0
gb|GC693416.1|  Sequence 2789 from patent US 6812339             1109    0.0
dbj|DI126066.1|  AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FORTRANSIEN... 1098    0.0
dbj|DD418157.1|  AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FOR TRANSIE... 1098    0.0
dbj|DJ418990.1|  Methods And Constructs For Expressing Polypep... 1068    0.0
dbj|DI151081.1|  Methods And Constructs For Expressing Polypep... 1068    0.0
dbj|DI128841.1|  AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FORTRANSIEN... 1068    0.0
dbj|DD418139.1|  AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FOR TRANSIE... 1068    0.0
emb|CS732108.1|  Sequence 104 from Patent WO2005083127           1033    0.0
emb|CS732101.1|  Sequence 97 from Patent WO2005083127            1033    0.0
```

```
ALIGNMENTS
>dbj|DI129697.1| AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FORTRANSIENT OR STABLE EXPRESSION
OF EXOGENOUS MOLECULES
Length=2660

 Score = 4817 bits (2608),  Expect = 0.0
 Identities = 2660/2660 (100%), Gaps = 0/2660 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60

Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180

Query  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  240

Query  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA  300

Query  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG  360

Query  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG  420

Query  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC  480

Query  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC  540

Query  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT  600

Query  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG  660

Query  661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT  720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT  720

Query  721   GGTCCCTGGAGGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAACAGG  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   GGTCCCTGGAGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAACAGG  780
```

```
Query   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840

Query   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900

Query   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960

Query   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020

Query   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080

Query   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140

Query   1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200

Query   1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260

Query   1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA   1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA   1320

Query   1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC   1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC   1380

Query   1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT   1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT   1440

Query   1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA   1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA   1500

Query   1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG   1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG   1560

Query   1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC   1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC   1620

Query   1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA   1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA   1680
```

```
Query  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740

Query  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800

Query  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860

Query  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920

Query  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980

Query  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040

Query  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100

Query  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160

Query  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220

Query  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280

Query  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340

Query  2341  CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT  2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2341  CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT  2400

Query  2401  TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG  2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2401  TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG  2460

Query  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520

Query  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580
```

```
Query  2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640

Query  2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
              ||||||||||||||||||||
Sbjct  2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
```

>dbj|DI109112.1| FLP-mediated Recombination
Length=2660

```
 Score = 4817 bits (2608),  Expect = 0.0
 Identities = 2660/2660 (100%), Gaps = 0/2660 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60

Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180

Query  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240

Query  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300

Query  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360

Query  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420

Query  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480

Query  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540

Query  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600

Query  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660
```

```
Query    661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720

Query    721   GGTCCCTGGAGGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAACAGG   780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    721   GGTCCCTGGAGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAACAGG   780

Query    781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840

Query    841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900

Query    901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960

Query    961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct    961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020

Query   1021   GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1021   GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080

Query   1081   AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1081   AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140

Query   1141   GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1141   GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200

Query   1201   CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1201   CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260

Query   1261   GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA   1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1261   GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA   1320

Query   1321   GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC   1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1321   GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC   1380

Query   1381   CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT   1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1381   CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT   1440

Query   1441   CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA   1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1441   CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA   1500

Query   1501   ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG   1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1501   ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG   1560
```

```
Query   1561   AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC   1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1561   AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC   1620

Query   1621   TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA   1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1621   TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA   1680

Query   1681   CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC   1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1681   CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC   1740

Query   1741   AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG   1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1741   AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG   1800

Query   1801   CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT   1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1801   CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT   1860

Query   1861   GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA   1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1861   GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA   1920

Query   1921   CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA   1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1921   CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA   1980

Query   1981   TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG   2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1981   TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG   2040

Query   2041   TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG   2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2041   TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG   2100

Query   2101   CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG   2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2101   CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG   2160

Query   2161   TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC   2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2161   TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC   2220

Query   2221   CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC   2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2221   CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC   2280

Query   2281   GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG   2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2281   GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG   2340

Query   2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400

Query   2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460
```

```
Query  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520

Query  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580

Query  2581  AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC  2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2581  AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC  2640

Query  2641  AGTAGATGCTTGTTGAATTC  2660
             ||||||||||||||||||||
Sbjct  2641  AGTAGATGCTTGTTGAATTC  2660


>dbj|DJ052243.1| FLP-mediated Recombination
Length=2660

 Score = 4817 bits (2608),  Expect = 0.0
 Identities = 2660/2660 (100%), Gaps = 0/2660 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60

Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180

Query  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  240

Query  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA  300

Query  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG  360

Query  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG  420

Query  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC  480

Query  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC  540
```

```
Query  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT  600

Query  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG  660

Query  661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT  720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT  720

Query  721   GGTCCCTGGAGGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAACAGG  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   GGTCCCTGGAGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAACAGG  780

Query  781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC  840

Query  841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG  900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG  900

Query  901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG  960

Query  961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC  1020

Query  1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA  1080

Query  1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG  1140

Query  1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT  1200

Query  1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA  1260

Query  1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA  1320

Query  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC  1380

Query  1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440
```

```
Query  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500

Query  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560

Query  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620

Query  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680

Query  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740

Query  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800

Query  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860

Query  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920

Query  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980

Query  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040

Query  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100

Query  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160

Query  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220

Query  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280

Query  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340
```

```
Query  2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400

Query  2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460

Query  2461   CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT   2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2461   CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT   2520

Query  2521   TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC   2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2521   TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC   2580

Query  2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640

Query  2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
              ||||||||||||||||||||
Sbjct  2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
```

>dbj|DD418156.1| AN EXPRESSION CASSETTE AND VECTOR FOR TRANSIENT OR STABLE EXPRESSIO
OF EXOGENOUS MOLECULES
Length=2660

```
 Score = 4817 bits (2608),  Expect = 0.0
 Identities = 2660/2660 (100%), Gaps = 0/2660 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60

Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180

Query  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240

Query  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300

Query  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360

Query  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct   361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420

Query   421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480

Query   481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540

Query   541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600

Query   601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660

Query   661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720

Query   721   GGTCCCTGGAGGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAACAGG   780
              |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   721   GGTCCCTGGAGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAACAGG   780

Query   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840

Query   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900

Query   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960

Query   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020

Query   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080

Query   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140

Query   1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200

Query   1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA   1260

Query   1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA   1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA  1320

Query  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC  1380

Query  1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440

Query  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500

Query  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560

Query  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620

Query  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680

Query  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740

Query  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800

Query  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860

Query  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920

Query  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980

Query  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040

Query  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100

Query  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160

Query  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct   2161   TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC   2220

Query   2221   CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC   2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2221   CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC   2280

Query   2281   GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG   2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2281   GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG   2340

Query   2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2341   CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT   2400

Query   2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2401   TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG   2460

Query   2461   CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT   2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2461   CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT   2520

Query   2521   TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC   2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2521   TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC   2580

Query   2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2581   AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC   2640

Query   2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
               ||||||||||||||||||||
Sbjct   2641   AGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
```

>dbj|E00140.1| Genomic DNA encoding human growth hormone
Length=2660

```
 Score = 4795 bits (2596),  Expect = 0.0
 Identities = 2656/2660 (99%), Gaps = 0/2660 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60

Query   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120

Query   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
               |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGCTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180

Query   181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240

Query   241    TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct   241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300

Query   301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360

Query   361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420

Query   421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480

Query   481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540

Query   541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   541   AGCTCACTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGCACAATGTGT   600

Query   601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   601   CCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGGGG   660

Query   661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   661   CTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTCCT   720

Query   721   GGTCCCTGGAGGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAACAGG   780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   721   GGTCCCTGGAGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAACAGG   780

Query   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   781   GAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGGCTC   840

Query   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   841   CCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGGCAG   900

Query   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   901   TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCGTCG   960

Query   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   961   CCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGGTGC   1020

Query   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1021  GCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGACTA   1080

Query   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1081  AGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGTGAG   1140

Query   1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT   1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1141  GTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTCCTT  1200

Query  1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1201  CTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCCCCA  1260

Query  1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1261  GACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCA  1320

Query  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCC  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1321  GAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGACCC  1380

Query  1381  CCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381  CCCGGGCAGCACACCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCT  1440

Query  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441  CCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCA  1500

Query  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501  ACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGG  1560

Query  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561  AAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGATCCAATCCTGGGGCCCCAC  1620

Query  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1621  TGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGA  1680

Query  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1681  CCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTAC  1740

Query  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1741  AACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCG  1800

Query  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1801  CTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACT  1860

Query  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1861  GGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCA  1920

Query  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1921  CTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACA  1980

Query  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1981  TTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGG  2040

Query  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  2041  TGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTG  2100

Query  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2101  CCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTG  2160

Query  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2161  TATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAAC  2220

Query  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2221  CTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCAGTCTTGGCTC  2280

Query  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2281  GCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTG  2340

Query  2341  CGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT  2400
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2341  GGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGT  2400

Query  2401  TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG  2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2401  TTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGG  2460

Query  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2461  CCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCTGTGATTT  2520

Query  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2521  TAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCC  2580

Query  2581  AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC  2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2581  AGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTC  2640

Query  2641  AGTAGATGCTTGTTGAATTC     2660
             |||||||||||||||||||
Sbjct  2641  AGTAGATGCTTGTTGAATTC     2660
```

>emb|AX719120.1| Sequence 1 from Patent EP1295938
Length=5002

 Score = 4724 bits (2558), Expect = 0.0
 Identities = 2651/2668 (99%), Gaps = 13/2668 (0%)
 Strand=Plus/Plus

```
Query  1     GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1589  GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  1648

Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1649  TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  1708

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
```

```
Sbjct  1709  GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA  1767

Query   181  TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1768  TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  1827

Query   241  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1828  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCT-GCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA  1886

Query   301  CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1887  CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG  1946

Query   361  GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1947  GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG  2006

Query   421  CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2007  CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC  2066

Query   481  AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2067  AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC  2126

Query   541  AGCTCA-CTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTT-GGCACAATGT   598
             |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  2127  AGCTCACCTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAATGT  2186

Query   599  GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   658
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2187  GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG  2246

Query   659  GGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   718
             ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2247  GGCTTATGAATGTTAG-TATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC  2305

Query   719  CTGGTCCCTGGA-GGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAAC   777
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2306  CTGGTCCCTGGAGGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAAC  2365

Query   778  AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGG   837
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2366  AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGG  2425

Query   838  CTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGG   897
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  2426  CTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGACTGTCCTGGCTTCAAGAGGG  2485

Query   898  CAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCG   957
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2486  CAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCG  2545

Query   958  TCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGG  1017
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2546  TCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGG  2605

Query  1018  TGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGA  1077
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct   2606   TGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGA   2665

Query   1078   CTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGT   1137
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2666   CTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGT   2725

Query   1138   GAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTC   1197
               ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2726   GAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTC   2785

Query   1198   CTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCC   1257
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2786   CTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCC   2845

Query   1258   CCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCA   1317
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2846   CCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCA   2905

Query   1318   GCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGA   1377
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2906   GCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGA   2965

Query   1378   GCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCA   1437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2966   GCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCA   3025

Query   1438   TCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCG   1497
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3026   TCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCG   3085

Query   1498   CCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAG   1557
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3086   CCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAG   3145

Query   1558   AGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGG-ATCC--AATCCTGGGG   1614
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||   |||||||||
Sbjct   3146   AGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGGATCCCCAATCCTGGGG   3205

Query   1615   CCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGG   1674
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3206   CCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGG   3265

Query   1675   CGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTT   1734
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3266   CGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTT   3325

Query   1735   CTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCC   1794
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3326   CTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCC   3385

Query   1795   CAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCC   1854
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3386   CAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCC   3445

Query   1855   CGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGAT   1914
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3446   CGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGAT   3505

Query   1915   GACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTC   1974
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  3506   GACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTC   3565

Query  1975   GAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTG   2034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3566   GAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTG   3625

Query  2035   CCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACT   2094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3626   CCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACT   3685

Query  2095   CCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTG   2154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3686   CCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTG   3745

Query  2155   TCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAA   2214
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  3746   TCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGC-AGGTTGGGAA   3804

Query  2215   GACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCA-G-T   2272
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||  | |
Sbjct  3805   GACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATT-GGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCACGAT   3863

Query  2273   CTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCG   2332
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3864   CTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCG   3923

Query  2333   AATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGA   2392
              ||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3924   AATAGTTGGGATTCCAGGCATGCACGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGA   3983

Query  2393   GACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCC   2452
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3984   GACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCC   4043

Query  2453   CGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCC   2512
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4044   CGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCC   4103

Query  2513   TGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGG   2572
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4104   TGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGG   4163

Query  2573   CCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGG   2632
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4164   CCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGG   4223

Query  2633   GTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC     2660
              ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4224   GTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC     4251
```

```
 Score =  204 bits (110),  Expect = 4e-49
 Identities = 213/261 (81%),  Gaps = 14/261 (5%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  2250   CCAGGCTGGAGTGCAGT-G-GCAGTCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAA   2307
              ||||||||||||||||| | ||| ||||||||| | |||| ||| |||||||||||||||
Sbjct  646    CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCAATCTTGGCTCACAGCAACCTCTGCCTCCTGGGTTCAA   705

Query  2308   GCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAA-TAGTTGCGATTCCAGGCA--TGCAAGACCAGG   2364
```

```
                      ||||||||||||||||||||| |||||| || ||| || |||| | |||   ||| | ||| |
Sbjct    706   GCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCC-AAGTAGCTGGGATTACGGGCTCGTGCCA--CCATG   762

Query   2365   -CTCAGCTAATTTTTGTATTTTT-GGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGG   2422
                | ||||||||||||||||||| || ||||| || |||| |||| | || || ||||
Sbjct    763   AC-CAGCTAATTTTTGTATTTTTAGG-AGAGATGGAGTTTTGCCATGTGGGTTAGCCTGG   820

Query   2423   TCTC-CATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTA   2481
                |||  || |||||||||| |  || |||| ||| |||| |||||||||| ||||||||||
Sbjct    821   TCTTGCA-CTCCTGACCTTAAGTGATCCACCCACCTCAGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTA   879

Query   2482   CAGGTATGAGCCACTGGGCCC   2502
                |||| ||||||||| | ||||
Sbjct    880   TAGGCATGAGCCACCGTGCCC   900


>emb|AX659146.1| Sequence 1 from Patent WO02101002
Length=5002

 Score = 4724 bits (2558),  Expect = 0.0
 Identities = 2651/2668 (99%), Gaps = 13/2668 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1589   GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   1648

Query   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1649   TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   1708

Query   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct   1709   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   1767

Query   181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1768   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   1827

Query   241    TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
                ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1828   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCT-GCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   1886

Query   301    CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1887   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   1946

Query   361    GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   1947   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   2006

Query   421    CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2007   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   2066

Query   481    AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2067   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   2126

Query   541    AGCTCA-CTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTT-GGCACAATGT   598
```

```
              |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||
Sbjct   2127  AGCTCACCTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAATGT   2186

Query    599  GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG    658
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2187  GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   2246

Query    659  GGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC    718
              |||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2247  GGCTTATGAATGTTAG-TATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   2305

Query    719  CTGGTCCCTGGA-GGAGGCagagagagagagagagagaaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAAC    777
              ||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2306  CTGGTCCCTGGAGGGAGGCAGAGAGAGAGAGAGAGAGAAAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAAC   2365

Query    778  AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGG    837
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2366  AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCTCCGGTTTCTCCCCAGG   2425

Query    838  CTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGGG    897
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct   2426  CTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGACTGTCCTGGCTTCAAGAGGG   2485

Query    898  CAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCG    957
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2486  CAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCCG   2545

Query    958  TCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGG   1017
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2546  TCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGGG   2605

Query   1018  TGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGA   1077
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2606  TGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAGA   2665

Query   1078  CTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGT   1137
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2666  CTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAGT   2725

Query   1138  GAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTC   1197
              ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2726  GAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGTC   2785

Query   1198  CTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCC   1257
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2786  CTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACCC   2845

Query   1258  CCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCA   1317
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2846  CCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCA   2905

Query   1318  GCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGA   1377
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2906  GCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGA   2965

Query   1378  GCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCA   1437
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   2966  GCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCA   3025

Query   1438  TCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCG   1497
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3026   TCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCG   3085

Query  1498   CCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAG   1557
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3086   CCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAG   3145

Query  1558   AGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGG-ATCC--AATCCTGGGG   1614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||  |||||||||||
Sbjct  3146   AGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGGATCCCCAATCCTGGGG   3205

Query  1615   CCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGG   1674
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3206   CCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGG   3265

Query  1675   CGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTT   1734
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3266   CGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTT   3325

Query  1735   CTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCC   1794
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3326   CTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCC   3385

Query  1795   CAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCC   1854
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3386   CAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCC   3445

Query  1855   CGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGAT   1914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3446   CGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGAT   3505

Query  1915   GACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTC   1974
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3506   GACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTC   3565

Query  1975   GAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTG   2034
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3566   GAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTG   3625

Query  2035   CCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACT   2094
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3626   CCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACT   3685

Query  2095   CCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTG   2154
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3686   CCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTG   3745

Query  2155   TCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAA   2214
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  3746   TCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGC-AGGTTGGGAA   3804

Query  2215   GACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCA-G-T   2272
              |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| | |
Sbjct  3805   GACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATT-GGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCACGAT   3863

Query  2273   CTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCG   2332
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3864   CTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCG   3923

Query  2333   AATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGA   2392
```

```
               ||||||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3924   AATAGTTGGGATTCCAGGCATGCACGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGA   3983

Query   2393   GACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCC   2452
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   3984   GACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCC   4043

Query   2453   CGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCC   2512
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   4044   CGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCC   4103

Query   2513   TGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGG   2572
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   4104   TGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGG   4163

Query   2573   CCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGG   2632
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   4164   CCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGG   4223

Query   2633   GTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
               ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   4224   GTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC   4251


 Score =  204 bits (110),  Expect = 4e-49
 Identities = 213/261 (81%), Gaps = 14/261 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query   2250   CCAGGCTGGAGTGCAGT-G-GCAGTCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAA   2307
               ||||||||||||||||| | ||| ||||||||| | |||| ||| ||||||||||||||||
Sbjct   646    CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCAATCTTGGCTCACAGCAACCTCTGCCTCCTGGGTTCAA   705

Query   2308   GCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAA-TAGTTGCGATTCCAGGCA--TGCAAGACCAGG   2364
               ||||||||||||||||| |||||| || ||| || |||| | |||   ||| |  ||| |
Sbjct   706    GCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCC-AAGTAGCTGGGATTACGGGCTCGTGCCA--CCATG   762

Query   2365   -CTCAGCTAATTTTTGTATTTTT-GGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGG   2422
               | |||||||||||||||||||| || ||||| || ||||| |||| || || || ||||
Sbjct   763    AC-CAGCTAATTTTTGTATTTTTAGG-AGAGATGGAGTTTTGCCATGTGGGTTAGCCTGG   820

Query   2423   TCTC-CATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTA   2481
               |||   || ||||||||||| | || |||| ||| |||| ||||||||| ||||||||||
Sbjct   821    TCTTGCA-CTCCTGACCTTAAGTGATCCACCCACCTCAGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTA   879

Query   2482   CAGGTATGAGCCACTGGGCCC   2502
               ||| |||||||||| | ||||
Sbjct   880    TAGGCATGAGCCACCGTGCCC   900


>emb|CS741886.1| Sequence 9882 from Patent WO2005083127
Length=20631

 Score = 4684 bits (2536),  Expect = 0.0
 Identities = 2625/2670 (98%), Gaps = 16/2670 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   9106   GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   9047
```

```
Query  61    TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  9046  TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   8987

Query  121   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  8986  GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   8928

Query  181   TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8927  TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   8868

Query  241   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
             |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8867  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCT-GCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   8809

Query  301   CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8808  CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   8749

Query  361   GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8748  GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   8689

Query  421   CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8688  CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   8629

Query  481   AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8628  AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCRACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   8569

Query  541   AGCTCA-CTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTT-GGCACAATGT   598
             |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  8568  AGCTCACCTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAATGT   8509

Query  599   GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   658
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8508  GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   8449

Query  659   GGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   718
             |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8448  GGCTTATGAATGTTAG-TATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   8390

Query  719   CTGGTCCCTGGA-GGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAAC   777
             ||||||||||||| ||||| ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  8389  CTGGTCCCTGGAGGGAGGC-AGAGAGAGAGAGAGARAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAAC   8331

Query  778   AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCCGGTTTCTCCCCAG   836
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  8330  AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCCTCCGGTTTCTCCCCAG   8271

Query  837   GCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGG   896
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8270  GCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGG   8211

Query  897   GCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCC   956
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8210  GCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCC   8151
```

```
Query  957   GTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGG  1016
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  8150  GTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTRTAAGCTCTTGGGTAATGG  8091

Query  1017  GTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAG  1076
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8090  GTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAMTTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAG  8031

Query  1077  ACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAG  1136
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  8030  ACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAG  7971

Query  1137  TGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGT  1196
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7970  TGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCWGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGT  7911

Query  1197  CCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACC  1256
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7910  CCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACC  7851

Query  1257  CCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGC  1316
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  7850  CCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACWGGGTGAAAACGC  7791

Query  1317  AGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGT-GGGATGGGGTAGACCTGTGGTCA  1375
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  7790  AGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCA  7731

Query  1376  GAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCG  1435
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7730  GAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCG  7671

Query  1436  CATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTT  1495
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7670  CATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTT  7611

Query  1496  CGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCT  1555
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7610  CGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCT  7551

Query  1556  AGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCA-GGAT--CCAATCCTGG  1612
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||||||||
Sbjct  7550  AGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGGATCCCCAATCCTGG  7491

Query  1613  GGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCA  1672
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7490  GGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCA  7431

Query  1673  GGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCT  1732
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7430  GGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCT  7371

Query  1733  TTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTG  1792
             ||||||||||||| ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7370  TTCTCTACAACCTGRAGGGGRGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTG  7311

Query  1793  CCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCC  1852
             |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7310  CCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTSCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCC  7251
```

```
Query  1853  CCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACG  1912
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7250  CCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACG  7191

Query  1913  ATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGG  1972
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7190  ATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGG  7131

Query  1973  TCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGC  2032
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7130  TCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGC  7071

Query  2033  TGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTA  2092
             |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  7070  TGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCASTGCCTCTCCTGGTSGTGGAAGGTGCTA  7011

Query  2093  CTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGG  2152
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7010  CTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGG  6951

Query  2153  TGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGG  2212
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  6950  TGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGG-CAGGTTGGG  6892

Query  2213  AAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCA-G  2271
             |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  6891  AAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATT-GGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCACG  6833

Query  2272  -TCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCC  2330
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6832  ATCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCC  6773

Query  2331  CGAATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTA  2390
             ||||||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6772  CGAATAGTTGGGATTCCAGGCATGCACGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTA  6713

Query  2391  GAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCG  2450
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6712  GAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCG  6653

Query  2451  CCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGT  2510
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6652  CCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGT  6593

Query  2511  CCTGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCT  2570
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6592  CCTGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCT  6533

Query  2571  GGCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATT  2630
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6532  GRCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATT  6473

Query  2631  GGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC  2660
             ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6472  GGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC  6443
```

```
 Score = 1037 bits (561),  Expect = 0.0
 Identities = 680/737 (92%), Gaps = 9/737 (1%)
 Strand=Plus/Minus
```

```
Query   1    GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT  60
             ||||||||| ||| |||    |||  |||||||||| |||||||||||||||| |||||||||
Sbjct   952  GAATTCAGGACTCAATGGTGCTCAGAACCCCCACAATCTATTGGCTGTGC-TTGGCCCCT   894

Query   61   TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||| |   ||||| ||||||||||||||||
Sbjct   893  TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAAGTTAAACACGCGGGGAGGAGGAAAG   834

Query   121  GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA  180
             ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct   833  GAATAGGATAGAGAGTGGAATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   775

Query   181  TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC  240
             ||||| ||||||||||||||| ||| ||||||||||| |||||||||||||||| ||||||
Sbjct   774  GCCTTCCCCGCGTTCAGGTTGACCAACATGGCCTGCAGCCAGAGGGCACCCACCTGACCC   715

Query   241  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTA-TCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACA  299
             |||||||||||||||||||||||||| | ||| |||||||| |||||||||||| ||| |||
Sbjct   714  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGG-AGTCTGTGGCTGACACTCTGTGCACAATCCTTACA   656

Query   300  ACGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT  359
             || |||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct   655  ACACTGGTGATGGTGAGAAGGGAAAGACGACAAGCCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   596

Query   360  GGGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACAT  419
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||| |
Sbjct   595  GGGAGGAGCTTCCAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCATGCATAAATGT   536

Query   420  GCAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGG-TATAAAAAGGGCCC  478
             || ||||||||||| ||   |||||| ||||||||| ||||||| ||||||||||||||||
Sbjct   535  ACACAGAAACAGGTGGGGTCAAGCAGGGAGAGAGAACTGGCCAGGGTATAAAAAGGGCCC   476

Query   479  ACAAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG  538
             |||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   475  ACAAGAGACCGGCTCTAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   416

Query   539  ACAGCTCAC-TAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGG-CACAAT  596
             ||||||||| ||| ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct   415  ACAGCTCACCTAGTGGCAATGGCTCCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAAC   356

Query   597  GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT  656
             |||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   355  GTGTCCTGAGGGGAGAGGCAGCGCCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   296

Query   657  GGGGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAG-TATTTGGCCAATCTCTGAATG  715
             ||||||||||||||| || ||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct   295  GGGGCTTATGAATGTGAG-TATCGCCATCTAAGGCCAGATATTTGGCCAATCTCTGAATG   237

Query   716  TTCCTGGTCCCTGGAGG   732
             ||||||||| |||||||
Sbjct   236  TTCCTGGTCTCTGGAGG   220


 Score =  255 bits (138),  Expect = 1e-64
 Identities = 172/188 (91%), Gaps = 3/188 (1%)
 Strand=Plus/Minus

Query   765  CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC  823
             ||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||| |||||||  ||| |||||
```

```
Sbjct   194   CAGCTCCTGGAGCAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTCCTCTCCGGCTCCCTCCATTGCCCTCC   135

Query   824   GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC   883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||
Sbjct   134   GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGCCCTGCTCTGCCTGCCC   75

Query   884   TGGCTTCAAGAGGGCAG-TGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGC   942
              ||||||||||||||| | | |||| ||| ||| |||| |||||||||||||||||| ||||
Sbjct   74    TGGCTTCAAGAGG-CTGGTGCCGTCCAAACCGTTCCGTTATCCAGGCTTTTTGACCACGC   16

Query   943   TATGCTCC   950
              ||||||||
Sbjct   15    TATGCTCC   8


  Score =  209 bits (113),  Expect = 8e-51
  Identities = 213/260 (81%), Gaps = 12/260 (4%)
  Strand=Plus/Minus

Query   2250   CCAGGCTGGAGTGCAGT-G-GCAGTCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAA   2307
              ||||||||||||||||| | ||| |||||||||| ||| ||| ||||||||||||||||||
Sbjct   10049  CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCAATCTTGGCTCACAGCAACCTCTGCCTCCTGGGTTCAA   9990

Query   2308   GCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAA-TAGTTGCGATTCCAGGCA--TGCAAGACCAGG   2364
              ||||||||||||||||||| ||||| || ||| || |||| | ||| | ||| | ||| |
Sbjct   9989   GCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCC-AAGTAGCTGGGATTACGGGCTCGTGCCA--CCATG   9933

Query   2365   CTCAGCTAATTTTTGTATTTTT-GGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGT   2423
              | ||||||||||||||||||||| || ||||| || |||| |||| | || || |||||
Sbjct   9932   CCCAGCTAATTTTTGTATTTTTAGG-AGAGATGGAGTTTTGCCATGTGGGTTAGCCTGGT   9874

Query   2424   CTC-CATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTAC   2482
              || || |||||||||| | || |||| || |||| |||||||||| ||||||||||||
Sbjct   9873   CTTGCA-CTCCTGACCTTAAGTGATCCACCCACCTCAGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTAT   9815

Query   2483   AGGTATGAGCCACTGGGCCC   2502
              ||| |||||||||| | ||||
Sbjct   9814   AGGCATGAGCCACCGTGCCC   9795
```

>emb|CS741885.1| Sequence 9881 from Patent WO2005083127
Length=58905

```
  Score = 4684 bits (2536),  Expect = 0.0
  Identities = 2625/2670 (98%), Gaps = 16/2670 (0%)
  Strand=Plus/Plus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   42593  GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   42652

Query   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   42653  TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   42712

Query   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct   42713  GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   42771

Query   181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  42772    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   42831

Query  241      TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
                ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  42832    TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCT-GCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   42890

Query  301      CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  42891    CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   42950

Query  361      GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  42951    GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   43010

Query  421      CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43011    CAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGTATAAAAAGGGCCCAC   43070

Query  481      AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   540
                ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43071    AAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCRACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGGAC   43130

Query  541      AGCTCA-CTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTT-GGCACAATGT   598
                |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  43131    AGCTCACCTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAATGT   43190

Query  599      GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   658
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43191    GTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTTGG   43250

Query  659      GGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   718
                ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43251    GGCTTATGAATGTTAG-TATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGTTC   43309

Query  719      CTGGTCCCTGGA-GGAGGCagagagagagagagagaaaaaaaaaaaCCCAGCTCCTGGAAC   777
                |||||||||||| ||||||                        |||||||||||||||||||
Sbjct  43310    CTGGTCCCTGGAGGGAGGC-AGAGAGAGAGAGAGARAAAAAAAAACCCAGCTCCTGGAAC   43368

Query  778      AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCCGGTTTCTCCCCAG   836
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  43369    AGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTGCCCTCCGGTTTCTCCCCAG   43428

Query  837      GCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGG   896
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43429    GCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCCTGGCTTCAAGAGG   43488

Query  897      GCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCC   956
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43489    GCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCTATGCTCCGCGCCC   43548

Query  957      GTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGCTCTTGGGTAATGG   1016
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  43549    GTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTRTAAGCTCTTGGGTAATGG   43608

Query  1017     GTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAG   1076
                |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43609    GTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAMTTTCCCCCGCTGGGAAGTAATGGGAGGAG   43668

Query  1077     ACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAG   1136
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43669  ACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGATGAGCATACGCTGAG  43728

Query  1137   TGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGT  1196
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43729  TGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCWGGTCTCCAGCATAGACCTTGGTGGGCGGT  43788

Query  1197   CCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACC  1256
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43789  CCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCAGAACC  43848

Query  1257   CCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGC  1316
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  43849  CCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAACWGGGTGAAAACGC  43908

Query  1317   AGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGT-GGGATGGGGTAGACCTGTGGTCA  1375
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  43909  AGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGTGGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCA  43968

Query  1376   GAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCG  1435
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  43969  GAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCG  44028

Query  1436   CATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTT  1495
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44029  CATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTT  44088

Query  1496   CGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCT  1555
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44089  CGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCT  44148

Query  1556   AGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCA-GGAT--CCAATCCTGG  1612
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||||||
Sbjct  44149  AGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCAGGGATCCCCAATCCTGG  44208

Query  1613   GGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCA  1672
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44209  GGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCA  44268

Query  1673   GGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCT  1732
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44269  GGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCT  44328

Query  1733   TTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTG  1792
             |||||||||||| ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44329  TTCTCTACAACCTGRAGGGGRGGGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTG  44388

Query  1793   CCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCC  1852
             |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44389  CCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTSCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCC  44448

Query  1853   CCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACG  1912
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44449  CCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACG  44508

Query  1913   ATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGG  1972
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44509  ATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGG  44568

Query  1973   TCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGC  2032
```

```
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44569  TCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGC  44628

Query  2033  TGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTA  2092
                    |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  44629  TGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCASTGCCTCTCCTGGTSGTGGAAGGTGCTA  44688

Query  2093  CTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGG  2152
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44689  CTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGG  44748

Query  2153  TGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGG  2212
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  44749  TGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGC-AGGTTGGG  44807

Query  2213  AAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCA-G  2271
                    ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  44808  AAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATT-GGGAACCAGGCTGGAGTGCAGTGGCACG  44866

Query  2272  -TCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCC  2330
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44867  ATCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCC  44926

Query  2331  CGAATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTA  2390
                    ||||||||| ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44927  CGAATAGTTGGGATTCCAGGCATGCACGACCAGGCTCAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTA  44986

Query  2391  GAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCG  2450
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  44987  GAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCTGACCTCAGGTAATCCG  45046

Query  2451  CCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGT  2510
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  45047  CCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGT  45106

Query  2511  CCTGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCT  2570
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  45107  CCTGTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGACACAGCATGGGCTACCT  45166

Query  2571  GGCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATT  2630
                    | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  45167  GRCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATT  45226

Query  2631  GGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC    2660
                    ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  45227  GGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC    45256
```

```
 Score = 2760 bits (1494),  Expect = 0.0
 Identities = 1766/1908 (92%), Gaps = 19/1908 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  765   CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC  823
                    ||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||| ||||||||||||| ||||
Sbjct  6412  CAGCTCCTGGAGCAGGGAGAGYGCTGGCCTCTTGCTCTCCGGCTCCCTCTGTTGCCCTCT  6471

Query  824   GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC  883
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  6472  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGCCC  6531
```

```
Query  884   TGGCTTCAAGAGGGCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCT   943
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6532  TGGCTTCAAGAGGGCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCT   6591

Query  944   ATGCTCCGCGCCCGTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGC   1003
             |||||| ||||||| ||| ||| |||||||||| | ||||| ||| ||||||||||||||
Sbjct  6592  ATGCTCYGCGCCCATCGTCTGCACCAGCTGGCMTWTGACAYCTACCAGGAGTTTGTAAGC   6651

Query  1004  TCTTGGGTAATGGGTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAA   1063
             ||||||| |||||||||||| |||| ||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  6652  TCTTGGGGAATGGGTGCGCATCAGGGGTGGCAGGAAGGGGTGACTTTCCCCCGCTGGGAA   6711

Query  1064  GTAATG-GGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGAT   1122
             ||| | |||||||||||||||||||||||||| ||| | ||||| |||||||||||||||
Sbjct  6712  ATAA-GAGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTT-TTTCCYGAAGCGAAAATGCAGGCAGAT   6769

Query  1123  GAGCATACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGA   1182
             ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||
Sbjct  6770  GAGCACACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCGTAGA   6829

Query  1183  CCTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTC   1242
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||
Sbjct  6830  CCTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCCAAAGGAACAGAAGTATTC   6889

Query  1243  ATTCCTGCAGAACCCCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAA   1302
             ||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||||| |||||
Sbjct  6890  ATTCCTGCAGRACCCCCAGACCTCCCTCTGTTTCTCAGAGTCTATTCCGACACCCTCCAA   6949

Query  1303  CAGGGTGAAAACGCAGCAGAAAT-CTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGG-TGGGATGGG   1360
             ||||| | ||||| || ||||||| | |||||||||||||||||||||||   ||||||||
Sbjct  6950  CAGGGAGGAAACACAACAGAAATYC-GTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGCGGGGATGGG   7008

Query  1361  GTAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAA   1420
             | ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||
Sbjct  7009  GGAGACCTGTAGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCAATGCCCGTCCTTCCCCTGCAGAA   7068

Query  1421  CCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCT   1480
             |||| |||||||||| |||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||||| |
Sbjct  7069  CCTARAGCTGCTCYGCATCTSCCTGCTGCTCATCCAGTCGTGGCTGGAGCCCGTGCAGTT   7128

Query  1481  CCTCAGGAGCGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCG   1540
             |||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||| ||||| ||||| |
Sbjct  7129  CCTCAGGAGTGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTACGGCGCCTCTGACWGCAACDTCTAT-G   7187

Query  1541  -CCACCTGAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCA-   1598
             || ||| |||||||||||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||| |||
Sbjct  7188  RCCTCCTAAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACRCTGATGGGGGGTGAGGGTGGCGCCAG   7247

Query  1599  GGAT--CCAATCCTGGGGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTG-GGGAGAGAAACACTGCTGC   1655
             || |   ||||||||| ||||||||| ||  || | ||| |||||||||||||||||||
Sbjct  7248  GGKTCCCCAATCCTGGAGCCCCACTGACTTTGAGAG-CTGTRTTAGAGAAACACTGCTGC   7306

Query  1656  CCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTC   1715
             ||||||||||||||| ||||| ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  7307  CCTCTTTTTAGCAGWCAGGCCCTGACCCAAGAGAACTCACCTTATTCTTCATTTCCCCTC   7366

Query  1716  GTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAG   1775
             |||||||||||||||| ||||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  7367  RTGAATCCTCCAGGCCWTTCTCTACACCCTGAAGGGGAGGGAGGAAAATGAATGAATGAG   7426
```

```
Query  1776  AGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAG  1835
             |  ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7427  AAAGGGAGGGAACAGTACCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAG  7486

Query  1836  GCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGA  1895
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||| |||||||||| ||
Sbjct  7487  GCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAAGCAGACCTACAGCAAGTTYGA  7546

Query  1896  CACAAAATCGCACAACGATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAG  1955
             ||||||  || ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7547  CACAAAMTCRCACAACGATGACGCACTRCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAG  7606

Query  1956  GAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGG  2015
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7607  GAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGG  7666

Query  2016  CAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCT  2075
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7667  CAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCT  7726

Query  2076  GGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCAT  2135
             || | ||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7727  GGCCCTGGAAGTTGCCACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCAT  7786

Query  2136  CATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAG  2195
             ||||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||    ||||||||||
Sbjct  7787  CATTTTGTCTGACTAGGTGTCCTTCTATAATATTATGGGGTGGAGGGGGGTGGTATGGAG  7846

Query  2196  CAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGC  2255
             |||||||| ||  |||||||||||||||||||||||| | |||||||||| ||||||| ||
Sbjct  7847  CAAGGGGCAAG-TTGGGAAGACAACCTGTAGGGCCTGCGGGGTCTATT-GGGAACCAAGC  7904

Query  2256  TGGAGTGCAGTGGCAG--TCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATT  2313
             ||||||||||||||||    ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  7905  TGGAGTGCAGTGGCACAATCTTGGCTCACTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATT  7964

Query  2314  CTCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAA  2373
             |||||||||| ||||||| | ||||  ||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  7965  CTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTTGTTGGGATTCCAGGCATGCATGACCAGGCTCAGCTAA  8024

Query  2374  TTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCC  2433
             ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| ||||
Sbjct  8025  TTTTTGTTTTTTTGGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGGCTGGTCTCCAACTCC  8084

Query  2434  TGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCC  2493
             | | ||||||| |||   ||| |||| ||||||||||||||||||||||||||   || ||
Sbjct  8085  TAATCTCAGGTGATCTACCCACCTTGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGCGTGAACC  8144

Query  2494  ACTGGGCCCTTCCCTGTCCTG-TGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAG  2552
             |||| ||||||||||||||| ||||||||||||| ||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  8145  ACTGCTCCCTTCCCTGTCCTTCTGATTTTAAAATAACTATACCAGCAGGAGGACGTCCAG  8204

Query  2553  ACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGC  2612
             |||||||||  ||||||||||||||||||| || || ||||||||||||| |||||||||
Sbjct  8205  ACACAGCATAGGCTACCTGGCCATGCCCAACCGGTGGACATTTGAGTTGYTTGCTTGGC  8264

Query  2613  ACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC    2660
             |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  8265  ACTGTCCTCTCATGCGTTGGGTCCACTCAGTAGATGCCTGTTGAATTC    8312
```

```
 Score = 1940 bits (1050),  Expect = 0.0
 Identities = 1367/1518 (90%), Gaps = 39/1518 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  765    CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC  823
              |||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||| |||||||| ||| |||||
Sbjct  28671  CAGCTCCTGGAGCAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTCCTCTCCGGCTCCCTCCATTGCCCTCC  28730

Query  824    GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC  883
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||
Sbjct  28731  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGCCCTGCTCTGCCTGCCC  28790

Query  884    TGGCTTCAAGAGGGC-AGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGC  942
              |||||||||| ||||  ||||| ||| |||| |||| |||||||||||||||||| ||||
Sbjct  28791  TGGCTTCAAGA-GGCTGGTGCCGTCCAAACCGTTCCGTTATCCAGGCTTTTTGACCACGC  28849

Query  943    TATGCTCCGCGCCCGTCGC-CTGTACCAGCTGG-CATATGACACCTATCAGGAGTTTGTA  1000
              ||||||||  |||| ||| | | |||||||||| |||| ||||||| ||||||||||||||
Sbjct  28850  TATGCTCCAAGCCCATCGCGC-GCACCAGCTGGCCAT-TGACACCTACCAGGAGTTTGTA  28907

Query  1001   AGCTCTTGGGTAATGGGTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCT-G  1059
              ||  ||||||| |||||||||| ||||||    |||| ||||| |||||||||||||  |
Sbjct  28908  AGTTCTTGGGGAATGGGTGCGGGTCAGGGGTGGCAAGAAGGGGTGACTTTCCCCCACTGG  28967

Query  1060   GGAAGTAATGGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCA  1119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  28968  GGAAGTAATGGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGCGAAAATGCAGGCA  29027

Query  1120   GATGAGCATACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCAT  1179
              |||||||| |||||| |||  |||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  29028  GATGAGCATAGGCTGAGCCAGGTTCCCAGAAAAGCAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCAT  29087

Query  1180   -------AG-A---C--CTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGA  1226
                     || |   |  ||||||| ||||||||||||||||||||||||   ||||||||  |
Sbjct  29088  AGAAACCAGCAGTCCTTCTTGGTGGGGGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAACCTATATCCCAA  29147

Query  1227   AGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCA-GAACCCCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCT  1285
              |||| |||||||||||||||||||| | || |||||||||||| |||||||||||| |||
Sbjct  29148  AGGACCAGAAGTATTCATTCCTGCATG-ACTCCCAGACCTCCTTCTGCTTCTCAGACTCT  29206

Query  1286   ATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTC  1345
              ||||| |||||| |||||| || | | |||||| ||||||||| | ||||||||||| ||||
Sbjct  29207  ATTCCGACACCCTCCAACATGGAGGAAACGCAACAGAAATCCGTGAGTGGATGCCGTCTC  29266

Query  1346   CCC-AGG-TGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCG  1403
              ||| ||| ||||||||| ||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  29267  CCCTAGGCGGGGATGGGGGAGACCTGTGGTCAGGGCTCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCG  29326

Query  1404   GTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGG  1463
              |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||
Sbjct  29327  GTCCTTCCCCTGCAGAATCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCGAGTCGTGG  29386

Query  1464   CTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCG  1523
              ||||||||||||| | ||||||||||| | || |||||||||| |||||||||| | |||||
Sbjct  29387  CTGGAGCCCGTGCGGTTCCTCAGGAGTATGTTCGCCAACAACCTGGTGTATGACACCTCG  29446

Query  1524   GACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGG  1583
              |||||| | | |||| || || || ||| |||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  29447  GACAGCGATGACTATCACCTCCTAAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGGGG  29506
```

```
Query   1584   GTGAGGGTGGCACCA-GGAT--CCAATCCTGGGGCCCCACTGGCTTCCAGGGACT-GGGG   1639
               |||||||||||| ||| || |  |||||||||||  ||||||||||||| |||| || ||||
Sbjct   29507  GTGAGGGTGGCGCCAGGGGTCRCCAATCCTGGAACCCCACTGGCTTCGAGGG-CTGGGGG   29565

Query   1640   AGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTA   1699
               ||||||| |||||||||||||||| ||||||| ||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct   29566  AGAGAAATACTGCTGCCCTCTTTKTAGCAGTAAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCTTA   29625

Query   1700   TTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGG   1759
               |||||||||| |||  ||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||||||||
Sbjct   29626  TTCTTCATTTCGCCTGGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACACCCTGAAGGGGAGGGAGG   29685

Query   1760   AAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTT   1819
               |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   29686  AAAATGGATRAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTT   29745

Query   1820   CCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGT   1879
               ||||||||||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||| |||| |||
Sbjct   29746  CCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGACGGCAGCCGCCGGACTGGGCAGATCCTCAAGCAGA   29805

Query   1880   CCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGC   1939
               |||||||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   29806  CCTACAGCAAGTTTGACACAAACTCGCACAACCATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGC   29865

Query   1940   TGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGT   1999
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct   29866  TGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATGGTGCAGT   29925

Query   2000   GCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCT   2059
               |||||||||| |||||  |||||||||||||||| |||||| || |||||| ||||||||
Sbjct   29926  GCCGCTCTGTRGAGGGYAGCTGTGGCTTCTAGGTGCCCGMGTRGCATCC-TGTGACCCCT   29984

Query   2060   CCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAA   2119
               ||||||||||||||||||| | || ||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   29985  CCCCAGTGCCTCTCCTGGCCCTG-AAGGTGCCACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAA   30043

Query   2120   TAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGA   2179
               |||||||||||| |||||| |  | ||||||||||| || |||||||||||||||||||||
Sbjct   30044  TAAAATTAAGTTGTATCATTTCATCTGACTAGGTGTCATTCTATAATATTATGGGGTGGA   30103

Query   2180   -GGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACA-ACCTGTAGGGCCTTCAGGG   2237
                || || ||||||||||||||||| |||| || |||| | ||||| ||||||||||| ||
Sbjct   30104  AGGTGG-TGGTATGGAGCAAGGGGT-AGGT-GGAAAGA-AGACCTGGAGGGCCTTCAAGG   30159

Query   2238   TCTATTCGGGAACCAGGC    2255
               |||||| |||||| ||||
Sbjct   30160  TCTATT-GGGAACTAGGC    30176
```

```
 Score = 1914 bits (1036),  Expect = 0.0
 Identities = 1365/1522 (89%), Gaps = 42/1522 (2%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query   765    CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC   823
               ||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||||| |||||||   ||| |||||
Sbjct   51505  CAGCTCCTGGAGCAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTCCTCTCCGGCTCCCTCCATTGCCCTCC   51564

Query   824    GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC   883
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||
```

```
Sbjct  51565  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGCCCTGCTCTGCCTGCCC  51624

Query  884    TGGCTTCAAGAGGGC-AGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGC  942
              |||||||||||| ||| |||||| ||| |||| |||| ||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  51625  TGGCTTCAAGA-GGCTGGTGCCGTCCAAACCGTTCCGTTATCCAGGCTTTTTGACCACGC  51683

Query  943    TATGCTCCGCGCCCGTCGC-CTGTACCAGCTGG-CATATGACACCTATCAGGAGTTTGTA  1000
              ||||||||  |||| |||| | | |||||||||| |||| ||||||  ||||||||||||
Sbjct  51684  TATGCTCCAAGCCCATCGCGC-GCACCAGCTGGCCAT-TGACACCTACCAGGAGTTTGTA  51741

Query  1001   AGCTCTTGGGTAATGGGTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCT-G  1059
              || |||||||| ||||||||||  ||||| |||||||||||||||| ||||||||| || |
Sbjct  51742  AGTTCTTGGGGAATGGGTGCGGGTCAGGGGTGGCAAGAAGGGGTGACTTTCCCCCACTGG  51801

Query  1060   GGAAGTAATGGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCA  1119
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  51802  GGAAGTAATGGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGCGAAAATGCAGGCA  51861

Query  1120   GATGAGCATACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCAT  1179
              |||||||||| |||||| |||||||||||||||||| ||||||||||| |||||||||||
Sbjct  51862  GATGAGCATAGGCTGAGCCAGGTTCCCAGAAAAGCAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCAT  51921

Query  1180   -------AG-A---C--CTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGA  1226
                     || |   |  ||||||||| ||||||||||||||||||||||| |||||||||   |
Sbjct  51922  AGAAACCAGCAGTCCTTCTTGGTGGGGGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAACCTATATCCCAA  51981

Query  1227   AGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCA-GAACCCCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCT  1285
              |||| ||||||||||||||||||||| | || |||||||||| |||||||||||||| |||
Sbjct  51982  AGGACCAGAAGTATTCATTCCTGCATG-ACTCCCAGACCTCCTTCTGCTTCTCAGACTCT  52040

Query  1286   ATTCCAACACCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTC  1345
              ||||| ||||| ||||||||| || | ||||||| |||||||| |||||||||| ||||
Sbjct  52041  ATTCCGACACCCTCCAACATGGAGGAAACGCAACAGAAATCCGTGAGTGGATGCCGTCTC  52100

Query  1346   CCC-AGG-TGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCG  1403
              ||| ||| ||||||||| |||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||
Sbjct  52101  CCCTAGGCGGGGATGGGGGAGACCTGTGGTCAGGGCTCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCG  52160

Query  1404   GTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGG  1463
              |||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||
Sbjct  52161  GTCCTTCCCCTGCAGAATCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCGAGTCGTGG  52220

Query  1464   CTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCG  1523
              |||||||||||||| | ||||||||| | ||||||||||| ||||||| |||||| | |||||
Sbjct  52221  CTGGAGCCCGTGCGGTTCCTCAGGAGTATGTTCGCCAACAACCTGGTGTATGACACCTCG  52280

Query  1524   GACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGG  1583
              |||||| | | ||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  52281  GACAGCGATGACTATCACCTCCTAAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGGGG  52340

Query  1584   GTGAGGGTGGCACCA-GGAT--CCAATCCTGGGGCCCCACTGGCTTCCAGGGACT-GGGG  1639
              |||||||||||  ||| ||| || | ||||||||| |||||||||| | ||||| | ||||
Sbjct  52341  GTGAGGGTGGCGCCAGGGGTCGCCAATCCTGGAACCCCACTGGCTTMGAGGG-CTGGGGG  52399

Query  1640   AGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTA  1699
              ||||||| ||||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  52400  AGAGAAAYACTGCTGCCCTCTTTGTAGCAGTMAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCTTA  52459

Query  1700   TTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGG  1759
              |||||||||| ||| |||||||||||||||| ||||||| ||| |||| ||||||||||||
```

```
Sbjct  52460  TTCTTCATTTCGCCTGGTGAATCCTCCAGGCCYTTCTCTACACCCTGAAGGGGAGGGAGG  52519

Query   1760  AAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTT  1819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  52520  AAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTT  52579

Query   1820  CCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGT  1879
              |||||||||||||||||||||||||| ||||||| ||||||||||||| |||| ||||
Sbjct  52580  CCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGACGGCAGCCGCCGGACTGGGCAGATCCTCAAGCAGA  52639

Query   1880  CCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGC  1939
              ||||||||||||||||||||||| || ||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  52640  CCTACAGCAAGTTTGACACAAACTCRCACAACCATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGC  52699

Query   1940  TGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGT  1999
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  52700  TGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATGGTGCAGT  52759

Query   2000  GCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACC--C  2057
              |||||||||| ||||| |||||||||||||| |||||| ||||||||||| |||||||  |
Sbjct  52760  GCCGCTCTGTAGAGGGTAGCTGTGGCTTCTAGGTGCCCGCGTGGCATCC-TGTGACCGAC  52818

Query   2058  C--TCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTC  2115
              |   |||||||||||||||||| | |||||||| || |||||||||| ||||||||||||
Sbjct  52819  CCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGCCCTGGAAGGTGCCACTCCAGTGCCCATCAGCCTTGTC  52878

Query   2116  CTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTGTATAATATTATGGGG  2175
              ||||||||||||||||| ||||||| | |||||||||||||| || ||||||||||||||
Sbjct  52879  CTAATAAAATTAAGTTGTATCATTTCATCTGACTAGGTGTCATTCTATAATATTATGGGG  52938

Query   2176  TGGA-GGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACA-ACCTGTAGGGCCTTC  2233
              |||| || || ||||||||||||||||| |||| || |||| | |||||| |||||||
Sbjct  52939  TGGAAGGTGG-TGGTATGGAGCAAGGGGT-AGGT-GGAAAGA-AGACCTGGAGGGCCTTC  52994

Query   2234  AGGGTCTATTCGGGAACCAGGC    2255
              | | |||||| |||||| ||||
Sbjct  52995  AAGRTCTATT-GGGAACTAGGC    53015


 Score = 1879 bits (1017),  Expect = 0.0
 Identities = 1359/1522 (89%), Gaps = 48/1522 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query    765  CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC  823
              |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| | ||||||| | ||| |||||
Sbjct  13985  CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGTGCTGGCCTCTTGCTCTGCGGCTCCCT-TCTTGCCCTCC  14043

Query    824  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC  883
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  14044  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGCCCTGCTCTGCCTGCCC  14103

Query    884  TGGCTTCAAGAGGGC-AGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACA-ACG  941
              |||||||||| ||| |||| ||| |||| |||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  14104  TGGCTTCAAGA-GGCTGGTGCCGTCCAAACCGTTCCCTTATCCAGGCTTTTT-AAAGAGG  14161

Query    942  CTATGCTCCGCGCCCGTCGC-CTGTACCAGCTGG-CATATGACACCTATCAGGAGTTTGT  999
              ||||||||| |||| |||| | |||||||||| ||| ||||||||||| ||||||||| |
Sbjct  14162  CTATGCTCCAAGCCCATCGCGC-ACACCAGCTGGCCAT-TGACACCTACCAGGAGTTTAT  14219

Query   1000  AAGCTCTTGGGTAATGGGTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCT-  1058
```

```
                  ||||||||||||| ||||||||||| |||| ||||||| ||||||||||| |||| ||| ||
Sbjct   14220    AAGCTCTTGGGGAATGGGTGCGGGTCAGGGGTGGCAAGAAGGGGTGACTTTCYCCCACTG    14279

Query   1059     GGGAAGTAATGGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGC    1118
                  ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct   14280    GGGAAGTAATGGGAGGASACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGYGAAAATGCAGGC    14339

Query   1119     AGATGAGCATACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCA    1178
                  |||||||||||| |||||| ||||||||||||| ||||||| |||||||| ||||||||||||
Sbjct   14340    AGATGAGCATAGGCTGAGCCAGGTTCCCAGAAGAGTAACAGTGGGAGCTGGTCTCCAGCA    14399

Query   1179     T----AG-A------C--CTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATC-CT    1224
                  |     || |       |     ||||||||| |||||||| ||||||||||||||||| |
Sbjct   14400    TAGAAAGCAGTGGTCCTTCTTGGTGGGGGGTCCTTCCCCTAGGAAGAAGCCTATATCAC-    14458

Query   1225     GAAGGAGCAGAAGTATTCATTCCTGCA-GAACCCCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGT    1283
                  ||||| ||||||||||||||||||||| | || |||||||||||| |||||||||||| |
Sbjct   14459    AAAGGAACAGAAGTATTCATTCCTGCATG-ACTCCCAGACCTCCTTCTGCTTCTCAGACT    14517

Query   1284     CTATTCCAACA-CCTTCCAACAGGGTGAAAACGCAGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCT-    1341
                  ||||||| ||| || ||||||| | ||||||||||||||||| ||||||||||||| ||
Sbjct   14518    CTATTCCGACATCC-TCCAACATGGAGGAAACGCAGCAGAAATCCGTGAGTGGATG-CTG    14575

Query   1342     TCTCCCC-AGG-TGGGATGGGGTAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACT    1399
                  ||||||| ||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   14576    TCTCCCCTAGGCGGGGATGGGGGAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACT    14635

Query   1400     GCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACCTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTC    1459
                  |||||||||||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct   14636    GCCGGTCCTTCCCCTGCAGAACTTAGAGCTGCTCCACATCTCCCTGCTGCTCATCGAGTC    14695

Query   1460     ATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTCCTCAGGAGCGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGC    1519
                  |||||||||||||||||| | ||||||||||   |||| ||||||| |||||||||| | |
Sbjct   14696    GCGGCTGGAGCCCGTGCGGTTCCTCAGGAGTACCTTCACCAACAACCTGGTGTATGACAC    14755

Query   1520     CTCGGACAGCAACGTCTATCGCCACCTGAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGAT    1579
                  |||||||||  | | | |||| || ||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct   14756    CTCGGACAGYGATGAMTATCACCTCCTAAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAATGCTGAT    14815

Query   1580     GTGGGTGAGGGTGGCACCA-GGAT--CCAATCCTGGG-GCCCCACTGGCTTCCAGGGACT    1635
                  | |||||||||||||||||||| || | ||||||||| |||| |||||||||| |||| ||
Sbjct   14816    GGGGGTGAGGGTGGCACCAGGGGGTCCCCAATCCTGGAAGCCC-ACTGGCTTCGAGGG-CT    14873

Query   1636     GGGG-AGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCA    1694
                  |||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   14874    GGGGGAGAGAAACACTGCTGCCCTCTTTTCAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCA    14933

Query   1695     CCGTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACAACCTGGAGGGGAG    1754
                  || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||||
Sbjct   14934    CCWTATTCTTCATTTCCCCTCGTGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACACCCTGRAGGGGAA    14993

Query   1755     GGAGGAAAATGGATGAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTT    1814
                  |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct   14994    GGAGGAAAATGGATAAATGAGAGAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGTCTCTCCTT    15053

Query   1815     CTCTTCCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAA    1874
                  ||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||| ||||||||||| ||||
Sbjct   15054    CTCTTGCTTCACTTTGCAGAGGCTGGAAGACGGCAGCCACCTGACTGGGCAGACCCTCAA    15113

Query   1875     TCAGTCCTACAGCAAGTTTGACACAAAATCGCACAACGATGACGCACTGCTCAAGAACTA    1934
```

```
                      |||  |||||||||||||||||||||||  |||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct   15114   GCAGACCTACAGCAAGTTTGACACAAACTCGCACAACCATGACGCACTGCTCAAGAACTA   15173

Query   1935   CGGGCTGCTCTACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGT   1994
                |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct   15174   CGGGCTGCTCCACTGCTTCAGGAAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATGGT   15233

Query   1995   GCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGA   2054
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||| ||||||||| |||||
Sbjct   15234   GCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGCAGCTGTGGCTTCTAGGGGCCCGCGTGGCATCC-TGTGA   15292

Query   2055   CCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGT   2114
                || ||||||||||||||||||||| | || |||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct   15293   CCYCTCCCCAGTGCCTCTCCTGGCCCTG-AAGGTGCCACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGT   15351

Query   2115   CCTAATAAAATTAAGTTGCATCATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTGTATAATATTATGGG   2174
                |||||||||||||||||| || ||| | ||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct   15352   CCTAATAAAATTAAGTTGTATTGTTTCATCTGACTAGGTGTCCTTCTATAATATTATGGG   15411

Query   2175   GTGGA-GGCGGGTGGTATGGAGCAAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAACCTGTAGGGCCTTC   2233
                ||||| || || |||||||||||||||||| |||| || ||||| ||||| ||||||||
Sbjct   15412   GTGGAAGGTGG-TGGTATGGAGCAAGGGGT-AGGT-GGRAAGACGACCTGGAGGGCCTTC   15468

Query   2234   AGGGTCTATTCGGGAACCAGGC   2255
                |||||||||| |||||| ||||
Sbjct   15469   AGGGTCTATT-GGGAACTAGGC   15489


  Score = 1081 bits (585),  Expect = 0.0
  Identities = 688/737 (93%),  Gaps = 11/737 (1%)
  Strand=Plus/Plus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
                ||||||||| |||||||||||| || |||||||| |||||||||||||||| ||||||||
Sbjct   13231   GAATTCAGGACTGAATCATGCTCACAACCCCCACAATCTATTGGCTGTGC-TTGGCCCCT   13289

Query   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct   13290   TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGTTAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   13349

Query   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
                |||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct   13350   GAATAGGATAGAGAGTGGGATGTGGTCGATAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   13408

Query   181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
                ||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||
Sbjct   13409   TCCTTCTCCKCATTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACCTGAACC   13468

Query   241    TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACAA   300
                ||||||||||||||||||||||||||| ||| ||| ||||| ||||||||||||||||||
Sbjct   13469   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTGTCTGTGGTTGACACTCTGTGCACAACCCTCACAA   13528

Query   301    CGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGTG   360
                |||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||| |||||| |||||||||||
Sbjct   13529   CGCTGGTGACGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGCCAGGGGACATGATGCCAGCATGTGTG   13588

Query   361    GGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACATG   420
                |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||| ||
Sbjct   13589   GGAGGAGCTTCCAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCATGCATAAATGTG   13648
```

```
Query   421    CAGAGAAACAGGTGAGGAG-AAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGG-TATAAAAAGGGCCC   478
               || ||||||||||| || | || |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct   13649  CACAGAAACAGGTGGGG-GCAA-CAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGGGTATAAAAAGGGCCC   13706

Query   479    ACAAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   538
               ||||||||||||||| || ||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct   13707  ACAAGAGACCAGCTCCAGCATCCCAAGGCCCGACTCCCCGCACCACTCAGGGTCCTGTGG   13766

Query   539    ACAGCTCAC-TAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGG-CACAAT   596
               ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct   13767  ACAGCTCACCTAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAAC   13826

Query   597    GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   656
               |||||||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct   13827  GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGCCCTGCAGATGGGACGGGGGCACTAACC-TCAGGTTT   13885

Query   657    GGGGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAG-TATTTGGCCAATCTCTGAATG   715
               ||||||| ||||||| | |||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||
Sbjct   13886  GGGGCTTCTGAATGTGAA-TATCGCCATCTAAGGCCAGATATTTGGCCAATCTCTGAATG   13944

Query   716    TTCCTGGTCCCTGGAGG   732
               |||||||||||||||||
Sbjct   13945  TTCCTGGTCCCTGGAGG   13961


 Score = 1068 bits (578),  Expect = 0.0
 Identities = 677/736 (91%),  Gaps = 8/736 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query   1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
               |||||||| ||||||| ||| || ||||||| |||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct   5660   GAATTCAGGACTGAATCGTGCTCACAACCCCCACAATCTATTGGCTGTGC-TTGGCCCCT   5718

Query   61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct   5719   TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGTTAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   5778

Query   121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTA-GGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGAC   179
               | ||||||||||||| ||||||| ||||||| |||||| |||||||||| ||||||||||
Sbjct   5779   GRATAGGATAGAGARTGGGATGKGGTCGGTAGGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGAC   5837

Query   180    ATCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACC   239
               ||||||| ||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| |||||
Sbjct   5838   ATCCTTCKCCGCGTKCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCDGCCAGAGGGCACCCACSTGACC   5897

Query   240    CTTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACA   299
               ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct   5898   CTTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTATYTCTGGCTGACACTCTGTGCACAACCCTCACA   5957

Query   300    ACGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   359
               || ||||||| ||||||||||||||||| ||||| |||||| |||||| |||||||||||
Sbjct   5958   ACACTGGTGACGGTGGGAAGGGAAAGAYGACAAGCCAGGGGRCATGATSCCAGCATGTGT   6017

Query   360    GGGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACAT   419
               ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| || |||| |
Sbjct   6018   GGGAGGAGCTTCTAAATTATCCAYTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCATGCATAAATGT   6077

Query   420    GCAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGG-TATAAAAAGGGCCC   478
               || ||||||||||| || || || ||| |||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct   6078   RCACAGAAACAGGTGGGGKCAA-CAGTGGGAGAGAAGGGGCCAGGGTATAAAAAGGGCCC   6136
```

```
Query  479   ACAAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   538
             ||||||||| |||| || ||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  6137  ACAAGAGACCRGCTCHAGSATCCCAAGGCCCRACTCCCCGMACCACTCAGGGTCCTGTGG   6196

Query  539   ACAGCTCAC-TAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGG-CACAAT   596
             ||||||||| |||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  6197  ACAGCTCACCTAGCBGCAATGGCTRCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAAY   6256

Query  597   GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   656
             ||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  6257  GTGTCCTGAGGGGAGAGGCAGCGACCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   6316

Query  657   GGGGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAGTATTTGGCCAATCTCTGAATGT   716
             ||||||| ||||||| || |||||||| ||||||||||||||||| ||||||||| || |
Sbjct  6317  GGGGCTTCTGAATGTGAG-TATCGCCATSAAGCCCAGTATTTGKCCAATCTCAGAAAGC   6375

Query  717   TCCTGGTCCCTGGAGG   732
             ||||||||||||||||
Sbjct  6376  TCCTGGTCCCTGGAGG   6391


 Score = 1037 bits (561),  Expect = 0.0
 Identities = 680/737 (92%), Gaps = 9/737 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1      GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
             ||||||||| ||| ||| ||| ||||||||||| |||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  27913  GAATTCAGGACTCAATGGTGCTCAGAACCCCCACAATCTATTGGCTGTGC-TTGGCCCCT   27971

Query  61     TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||| |||||||||||||||
Sbjct  27972  TTTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAAGTTAAACACGCGGGGAGGAGGAAAG   28031

Query  121    GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
             ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  28032  GAATAGGATAGAGAGTGGAATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   28090

Query  181    TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
             ||||| ||||||||||||||||| ||| ||||||||||| ||||||||||||| |||||||
Sbjct  28091  GCCTTCCCCGCGTTCAGGTTGACCAACATGGCCTGCAGCCAGAGGGCACCCACCTGACCC   28150

Query  241    TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTA-TCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACA   299
             |||||||||||||||||||||||| | | ||| ||||||||| ||||||||||| ||| ||
Sbjct  28151  TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGG-AGTCTGTGGCTGACACTCTGTGCACAATCCTTACA   28209

Query  300    ACGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   359
             || ||||||||||||| |||||||||| ||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  28210  ACACTGGTGATGGTGAGAAGGGAAAGACGACAAGCCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   28269

Query  360    GGGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACAT   419
             ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||| |
Sbjct  28270  GGGAGGAGCTTCCAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCATGCATAAATGT   28329

Query  420    GCAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGG-TATAAAAAGGGCCC   478
             || |||||||||||| || |||||| |||||| |||||| ||||| ||||||||||||||
Sbjct  28330  ACACAGAAACAGGTGGGGTCAAGCAGGGAGAGAGAACTGGCCAGGGTATAAAAAGGGCCC   28389

Query  479    ACAAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   538
             ||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct   28390   ACAAGAGACCGGCTCTAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   28449

Query   539     ACAGCTCAC-TAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGG-CACAAT   596
                ||||||||| ||| ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct   28450   ACAGCTCACCTAGTGGCAATGGCTCCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAAC   28509

Query   597     GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   656
                |||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   28510   GTGTCCTGAGGGGAGAGGCAGCGCCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT   28569

Query   657     GGGGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAG-TATTTGGCCAATCTCTGAATG   715
                |||||||||||||| || ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||
Sbjct   28570   GGGGCTTATGAATGTGAG-TATCGCCATCTAAGGCCAGATATTTGGCCAATCTCTGAATG   28628

Query   716     TTCCTGGTCCCTGGAGG    732
                |||||||| |||||||
Sbjct   28629   TTCCTGGTCTCTGGAGG    28645


  Score = 1037 bits (561),  Expect = 0.0
  Identities = 680/737 (92%), Gaps = 9/737 (1%)
  Strand=Plus/Plus

Query   1       GAATTCAGCACTGAATCATGCCCAGAACCCCCGCAATCTATTGGCTGTGCTTTGGCCCCT   60
                ||||||||| ||| ||| |||| ||||||||| |||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct   50747   GAATTCAGGACTCAATGGTGCTCAGAACCCCCACAATCTATTGGCTGTGC-TTGGCCCCT   50805

Query   61      TTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAGGGGAAACATGCGGGGAGGAGGAAAG   120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||| |||||||||||||||||
Sbjct   50806   TTCCCAACACACACATTCTGTCTGGTGGGTGGAAGTTAAACACGCGGGGAGGAGGAAAG   50865

Query   121     GAATAGGATAGAGAGTGGGATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGGCCTATCCTGACA   180
                ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct   50866   GAATAGGATAGAGAGTGGAATGGGGTCGGTAGGGGTCTCAAGGACTGG-CTATCCTGACA   50924

Query   181     TCCTTCTCCGCGTTCAGGTTGGCCACCATGGCCTGCTGCCAGAGGGCACCCACGTGACCC   240
                ||||| |||||||||||||||| ||| ||||||||| |||||||||||||||| ||||||
Sbjct   50925   GCCTTCCCCGCGTTCAGGTTGACCAACATGGCCTGCAGCCAGAGGGCACCCACCTGACCC   50984

Query   241     TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGGTA-TCTCTGGCTGACATTCTGTGCACAACCCTCACA   299
                ||||||||||||||||||||||||| | ||| ||||||||| |||||||||| ||| |||
Sbjct   50985   TTAAAGAGAGGACAAGTTGGGTGG-AGTCTGTGGCTGACACTCTGTGCACAATCCTTACA   51043

Query   300     ACGCTGGTGATGGTGGGAAGGGAAAGATGACAAGTCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   359
                || |||||||||||| |||||||||| ||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct   51044   ACACTGGTGATGGTGAGAAGGGAAAGACGACAAGCCAGGGGGCATGATCCCAGCATGTGT   51103

Query   360     GGGAGGAGCTTCTAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCAGGCCTAAACAT   419
                |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||  |
Sbjct   51104   GGGAGGAGCTTCCAAATTATCCATTAGCACAAGCCCGTCAGTGGCCCCATGCATAAATGT   51163

Query   420     GCAGAGAAACAGGTGAGGAGAAGCAGCGAGAGAGAAGGGGCCAGG-TATAAAAAGGGCCC   478
                || ||||||||||| || |||||| |||||||||| ||||||| ||||||||||||||
Sbjct   51164   ACACAGAAACAGGTGGGGTCAAGCAGGGAGAGAGAACTGGCCAGGGTATAAAAAGGGCCC   51223

Query   479     ACAAGAGACCAGCTCAAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   538
                ||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct   51224   ACAAGAGACCGGCTCTAGGATCCCAAGGCCCAACTCCCCGAACCACTCAGGGTCCTGTGG   51283

Query   539     ACAGCTCAC-TAGCGGCAATGGCTGCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGG-CACAAT   596
```

```
                   |||||||||| ||| |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  51284  ACAGCTCACCTAGTGGCAATGGCTCCAGGTAAGCGCCCCTAAAATCCCTTTGGGCACAAC  51343

Query  597    GTGTCCTGAGGGGAGAGGCGGCGTCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT  656
              |||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  51344  GTGTCCTGAGGGGAGAGGCAGCGCCCTGTAGATGGGACGGGGGCACTAACCCTCAGGTTT  51403

Query  657    GGGGCTTATGAATGTTAGCTATCGCCATCTAAGCCCAG-TATTTGGCCAATCTCTGAATG  715
              ||||||||||||||| || ||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  51404  GGGGCTTATGAATGTGAG-TATCGCCATCTAAGGCCAGATATTTGGCCAATCTCTGAATG  51462

Query  716    TTCCTGGTCCCTGGAGG   732
              |||||||||| |||||||
Sbjct  51463  TTCCTGGTCTCTGGAGG   51479


 Score =  545 bits (295),  Expect = 6e-152
 Identities = 376/415 (90%), Gaps = 5/415 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query  2250   CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCA-G-TCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAA  2307
              ||||||| |||||||| ||||| | ||||||||| ||||| |||| |||||||||||||||
Sbjct  574    CCAGGCTAGAGTGCAATGGCACGATCTTGGCTCACTGCACCCTCCACCTCCTGGGTTCAA  633

Query  2308   GCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAA-TAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCT  2366
              ||||||||||||||||||| ||| | || ||| || |||| || || || || |||||||
Sbjct  634    GCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCTC-AAGTAGCTGGGATTACAAGCGCCCACTACCAGGCT  692

Query  2367   CAGCTAATTTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTC  2426
              | ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  693    CCGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGGCTGGTCTC  752

Query  2427   CATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGT  2486
              || ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |
Sbjct  753    CAACTCCTGACCTCAGGTGATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATCACAGAT  812

Query  2487   ATGAGCCACTGGGCCCTTCCCTGTCCT-GTGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGA  2545
              | ||||||||| |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  813    GTAAGCCACTGCGCCCTTCCCTGTCCTTGTCATTTTAAAATAATTATACCAGCAGGAGGA  872

Query  2546   CGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTT  2605
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| |||
Sbjct  873    CGTCCAGACACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCCAGCTGGTTGGACATTTGAGTTCTTT  932

Query  2606   GCTTGGCACTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC   2660
              |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  933    GCTTGGCACTGTCCTCTCATGCGTTGGGTCCACTCAGTAGATGCTTATTGAATTC   987


 Score =  209 bits (113),  Expect = 8e-51
 Identities = 213/260 (81%), Gaps = 12/260 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  2250   CCAGGCTGGAGTGCAGT-G-GCAGTCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAA  2307
              ||||||||||||||||| | ||| ||||||||| |||| ||| ||||||||||||||||
Sbjct  41650  CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCAATCTTGGCTCACAGCAACCTCTGCCTCCTGGGTTCAA  41709

Query  2308   GCGATTCTCCTGCCTCAGTCTCCCGAA-TAGTTGCGATTCCAGGCA--TGCAAGACCAGG  2364
              ||||||||||||||||||| ||||| || ||| || |||| || ||  ||| | |||| |
Sbjct  41710  GCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCC-AAGTAGCTGGGATTACGGGCTCGTGCCA--CCATG  41766
```

```
Query  2365  CTCAGCTAATTTTTGTATTTTT-GGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGT  2423
             | |||||||||||||||||||| || ||||| || |||| |||| | || || |||||
Sbjct  41767  CCCAGCTAATTTTTGTATTTTTAGG-AGAGATGGAGTTTTGCCATGTGGGTTAGCCTGGT  41825

Query  2424  CTC-CATCTCCTGACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTAC  2482
             ||  || ||||||||| ||| | || |||| |||| ||||||||| ||||||||||||
Sbjct  41826  CTTGCA-CTCCTGACCTTAAGTGATCCACCCACCTCAGCCTCCCAAAGTGCTGGGATTAT  41884

Query  2483  AGGTATGAGCCACTGGGCCC   2502
             ||| ||||||||| | ||||
Sbjct  41885  AGGCATGAGCCACCGTGCCC   41904


>gb|GC699295.1| Sequence 14540 from patent US 6812339
Length=5692

 Score = 2802 bits (1517),  Expect = 0.0
 Identities = 1780/1907 (93%), Gaps = 17/1907 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  765   CAGCTCCTGGAACAGGGAGAGCGCTGGCCTCTTGCTCTCCAGCTCCCTCTGTTG-CCTCC  823
             |||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||||
Sbjct  2313  CAGCTCCTGGAGCAGGGAGAGTGCTGGCCTCTTGCTCTCCGGCTCCCTCTGTTGCCCTCT  2372

Query  824   GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGTCC  883
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  2373  GGTTTCTCCCCAGGCTCCCGGACGTCCCTGCTCCTGGCTTTTGGCCTGCTCTGCCTGCCC  2432

Query  884   TGGCTTCAAGAGGGCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCT  943
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2433  TGGCTTCAAGAGGGCAGTGCCTTCCCAACCATTCCCTTATCCAGGCTTTTTGACAACGCT  2492

Query  944   ATGCTCCGCGCCCGTCGCCTGTACCAGCTGGCATATGACACCTATCAGGAGTTTGTAAGC  1003
             ||||||||||||| ||| ||| ||||||||||| | |||||||| |||||||||||||||
Sbjct  2493  ATGCTCCGCGCCCATCGTCTGCACCAGCTGGCCTTTGACACCTACCAGGAGTTTGTAAGC  2552

Query  1004  TCTTGGGTAATGGGTGCGCTTCAGAGGTGGCAGGAAGGGGTGAATTTCCCCCGCTGGGAA  1063
             ||||||| ||||||||||| | ||||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  2553  TCTTGGGGAATGGGTGCGCATCAGGGGTGGCAGGAAGGGGTGACTTTCCCCCGCTGGGAA  2612

Query  1064  GTAATG-GGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTTGTTTTCTGAAGTGAAAATGCAGGCAGAT  1122
             ||| |  |||||||||||||||||||||||||| ||| | |||| |||||||||||||||
Sbjct  2613  ATAA-GAGGAGGAGACTAAGGAGCTCAGGGTT-TTTCCCGAAGCGAAAATGCAGGCAGAT  2670

Query  1123  GAGCATACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCAGGTCTCCAGCATAGA  1182
             ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||| |||
Sbjct  2671  GAGCACACGCTGAGTGAGGTTCCCAGAAAAGTAACAATGGGAGCTGGTCTCCAGCGTAGA  2730

Query  1183  CCTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCTGAAGGAGCAGAAGTATTC  1242
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| ||||||||||||
Sbjct  2731  CCTTGGTGGGCGGTCCTTCTCCTAGGAAGAAGCCTATATCCCAAAGGAACAGAAGTATTC  2790

Query  1243  ATTCCTGCAGAACCCCCAGACCTCCCTCTGCTTCTCAGAGTCTATTCCAACACCTTCCAA  1302
             |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||| ||||| |||||
Sbjct  2791  ATTCCTGCAGAACCCCCAGACCTCCCTCTGTTTCTCAGAGTCTATTCCGACACCCTCCAA  2850

Query  1303  CAGGGTGAAAACGCAGCAGAAATCTGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGG-TGGGATGGGG  1361
             ||||| | |||| | ||||||||| ||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Sbjct  2851  CAGGGAGGAAACACAACAGAAATCCGTGAGTGGATGCCTTCTCCCCAGGCGGGGATGGGG  2910
```

```
Query  1362  TAGACCTGTGGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCACTGCCGGTCCTTCCCCTGCAGAAC  1421
             ||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||  ||||  ||||||||||||||||||||
Sbjct  2911  GAGACCTGTAGTCAGAGCCCCCGGGCAGCACAGCCAATGCCCGTCCTTCCCCTGCAGAAC  2970

Query  1422  CTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCATGGCTGGAGCCCGTGCAGCTC  1481
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||
Sbjct  2971  CTAGAGCTGCTCCGCATCTCCCTGCTGCTCATCCAGTCGTGGCTGGAGCCCGTGCAGTTC  3030

Query  1482  CTCAGGAGCGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTATGGCGCCTCGGACAGCAACGTCTATCG-  1540
             |||||||| |||||||||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||| |
Sbjct  3031  CTCAGGAGTGTCTTCGCCAACAGCCTGGTGTACGGCGCCTCTGACAGCAACGTCTAT-GA  3089

Query  1541  CCACCTGAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGTGGGTGAGGGTGGCACCA-G  1599
             || |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||| ||| |
Sbjct  3090  CCTCCTAAAGGACCTAGAGGAAGGCATCCAAACGCTGATGGGGGTGAGGGTGGCGCCAGG  3149

Query  1600  GAT--CCAATCCTGGGGCCCCACTGGCTTCCAGGGACTG-GGGAGAGAAACACTGCTGCC  1656
             | |   |||||||||| |||||||| |||   || || ||| |  ||||||||||||||||
Sbjct  3150  GGTCCCAATCCTGGAGCCCCACTGACTTTGAGAG-CTGTGTTAGAGAAACACTGCTGCC  3208

Query  1657  CTCTTTTTAGCAGTCAGGCGCTGACCCAAGAGAACTCACCGTATTCTTCATTTCCCCTCG  1716
             |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  3209  CTCTTTTTAGCAGTCAGGCCCTGACCCAAGAGAACTCACCTTATTCTTCATTTCCCCTCG  3268

Query  1717  TGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACAACCTGGAGGGGAGGGAGGAAAATGGATGAATGAGA  1776
             ||||||||||||||||||||||||||| ||||  ||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  3269  TGAATCCTCCAGGCCTTTCTCTACACCCTGAAGGGGAGGGAGGAAAATGAATGAATGAGA  3328

Query  1777  GAGGGAGGGAACAGTGCCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGG  1836
             ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3329  AAGGGAGGGAACAGTACCCAAGCGCTTGGCCTCTCCTTCTCTTCCTTCACTTTGCAGAGG  3388

Query  1837  CTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAATCAGTCCTACAGCAAGTTTGAC  1896
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||| |||
Sbjct  3389  CTGGAAGATGGCAGCCCCCGGACTGGGCAGATCTTCAAGCAGACCTACAGCAAGTTCGAC  3448

Query  1897  ACAAAATCGCACAACGATGACGCACTGCTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGG  1956
             |||||  || ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3449  ACAAACTCACACAACGATGACGCACTACTCAAGAACTACGGGCTGCTCTACTGCTTCAGG  3508

Query  1957  AAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGC  2016
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3509  AAGGACATGGACAAGGTCGAGACATTCCTGCGCATCGTGCAGTGCCGCTCTGTGGAGGGC  3568

Query  2017  AGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTG  2076
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3569  AGCTGTGGCTTCTAGCTGCCCGGGTGGCATCCCTGTGACCCCTCCCCAGTGCCTCTCCTG  3628

Query  2077  GTCGTGGAAGGTGCTACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATC  2136
             | |  ||||||  |||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3629  GCCCTGGAAGTTGCCACTCCAGTGCCCACCAGCCTTGTCCTAATAAAATTAAGTTGCATC  3688

Query  2137  ATTTTGTTTGACTAGGTGTCCTTGTATAATATTATGGGGTGGAGGCGGGTGGTATGGAGC  2196
             |||||||  ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Sbjct  3689  ATTTTGTCTGACTAGGTGTCCTTCTATAATATTATGGGGTGGAGGGGGGTGGTATGGAGC  3748

Query  2197  AAGGGGCCAGGTTGGGAAGACAACCTGTAGGGCCTTCAGGGTCTATTCGGGAACCAGGCT  2256
             |||||||||| ||  |||||||||||||||||||||  |  | |||||||| |||||||  |||
Sbjct  3749  AAGGGGCAAG-TTGGGAAGACAACCTGTAGGGCCTGCGGGGTCTATT-GGGAACCAAGCT  3806
```

```
Query  2257  GGAGTGCAGTGGCAG--TCTTGGCTCGCTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTC  2314
             |||||||||||||||   |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3807  GGAGTGCAGTGGCACAATCTTGGCTCACTGCAATCTCCGCCTCCTGGGTTCAAGCGATTC  3866

Query  2315  TCCTGCCTCAGTCTCCCGAATAGTTGCGATTCCAGGCATGCAAGACCAGGCTCAGCTAAT  2374
             |||||||||| ||||||| | |||| |||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  3867  TCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTTGTTGGGATTCCAGGCATGCATGACCAGGCTCAGCTAAT  3926

Query  2375  TTTTGTATTTTTGGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGTCTGGTCTCCATCTCCT  2434
             |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||
Sbjct  3927  TTTTGTTTTTTTGGTAGAGACGGGGTTTCACCATATTGGCCAGGCTGGTCTCCAACTCCT  3986

Query  2435  GACCTCAGGTAATCCGCCCGCCTCGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGTATGAGCCA  2494
             | |||||||| |||  ||| ||| ||| ||||||||||||||||||||||||   ||| |||
Sbjct  3987  AATCTCAGGTGATCTACCCACCTTGGCCTCCCAAATTGCTGGGATTACAGGCGTGAACCA  4046

Query  2495  CTGGGCCCTTCCCTGTCCTG-TGATTTTAAAATAATTATACCAGCAGAAGGACGTCCAGA  2553
             |||   ||||||||||||||| |||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||
Sbjct  4047  CTGCTCCCTTCCCTGTCCTTCTGATTTTAAAATAACTATACCAGCAGGAGGACGTCCAGA  4106

Query  2554  CACAGCATGGGCTACCTGGCCATGCCCAGCCAGTTGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCA  2613
             |||||||| |||||||||||||||||||||  || || ||||||||||||||||||||||
Sbjct  4107  CACAGCATAGGCTACCTGGCCATGCCCAACCGGTGGGACATTTGAGTTGTTTGCTTGGCA  4166

Query  2614  CTGTCCTCTCATGCATTGGGTCCACTCAGTAGATGCTTGTTGAATTC      2660
             ||||||||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  4167  CTGTCCTCTCATGCGTTGGGTCCACTCAGTAGATGCCTGTTGAATTC      4213
```

Lambda   K   H
   1.33   0.621   1.12
Gapped
Lambda   K   H
   1.28   0.460   0.850
Matrix: blastn matrix:1 -2
Gap Penalties: Existence: 0, Extension: 0
Number of Sequences: 8753385
Number of Hits to DB: 1394086
Number of extensions: 628
Number of successful extensions: 628
Number of sequences better than 10: 419
Number of HSP's better than 10 without gapping: 0
Number of HSP's gapped: 603
Number of HSP's successfully gapped: 603
Length of query: 2660
Length of database: 4832233817
Length adjustment: 32
Effective length of query: 2628
Effective length of database: 4552125497
Effective search space: 11962985806116
Effective search space used: 11962985806116
A: 0
X1: 12 (23.1 bits)

```
X2: 32 (59.1 bits)
X3: 54 (99.7 bits)
S1: 12 (23.3 bits)
S2: 22 (41.7 bits)
```